

387	GAA	GAT	GCC	CCA	GTA	GTT	CTC	TGG	CTA	CAG	GGT	GAG	COG	GGA	GGT	TCA	TCC	ATG
	E	D	A	P	V	V	L	W	L	Q	G	E	P	G	G	S	S	M
405																		
414																		
423																		
432																		
441	TTT	GGA	CTC	TTT	GTG	GAA	CAT	GGG	CCT	TAT	GTT	GTC	ACA	AGT	AAC	ATG	ACC	TTG
	F	G	L	F	V	E	H	G	P	Y	V	V	T	S	N	M	T	L
459																		
468																		
477																		
486																		
495	GAT	GAC	AGA	GAC	TTC	CCC	TGG	ACC	ACA	ACG	CTC	TCC	ATG	CTT	TAC	ATT	GAC	AAT
	R	D	R	D	F	P	W	T	T	T	L	S	M	L	Y	I	D	N
513																		
522																		
531																		
540																		
549	CCA	GTG	GGC	ACA	GGC	TTC	AGT	TTT	ACT	GAT	GAT	ACC	CAC	CAC	GGA	TAT	GCA	GTC
	P	V	G	T	G	F	S	F	T	D	D	T	H	G	Y	A	V	N
558																		
567																		
576																		
585																		
594																		
603	GAG	GAC	GAT	GTA	GCA	CGG	GAT	TTA	TAC	AGT	GCA	CTA	ATT	CAG	TTT	TTT	CAG	ATA
	E	D	D	V	A	R	D	L	Y	S	A	L	I	Q	F	F	Q	I
612																		
621																		
630																		
639																		
648																		
657	TTT	CCT	GAA	TAT	AAA	AAT	AAT	GAC	TTT	TAT	GTC	ACT	GGG	GAG	TCT	TAT	GCA	GGG
	F	P	E	Y	K	N	N	D	F	Y	V	T	G	E	S	Y	A	G
666																		
675																		
684																		
693																		
702																		
711	AAA	TAT	GTG	CCA	GCC	ATT	GCA	CAC	CTC	ATC	CAT	TCC	CTC	AAC	CCT	GTG	AGA	GAG
	K	Y	V	P	A	I	A	H	L	I	H	S	L	N	P	V	R	E
720																		
729																		
738																		
747																		
756																		

FIGURE 1B

765	774	783	792	801	810
GTG AAG ATC AAC CTG AAC GGA ATT GCT ATT GGA GAT GGA TAT TCT GAT CCC GAA					
V K I N L N G I A I G D G Y S D P E					
819	828	837	846	855	864
TCA ATT ATA GGG GGC TAT GCA GAA TTC CTG TAC CAA ATT GGC TTG TTG GAT GAG					
S I I G G Y A E F L Y Q I G L L D E					
873	882	891	900	909	918
AAG CAA AAA AAG TAC TTC CAG AAG CAG TGC CAT GAA TGC ATA GAA CAC ATC AGG					
K Q K K Y F Q K Q C H E C I E H I R					
927	936	945	954	963	972
AAG CAG AAC TGG TTT GAG GCC TTT GAA ATA CTG GAT AAA CTA CTA GAT GGC GAC					
K Q N W F E A F E I L D K L L D G D					
981	990	999	1008	1017	1026
TTA ACA AGT GAT CCT TCT TAC CAG AAT GTT ACA GGA TGT AGT AAT TAC TAT					
L T S D P S Y F Q N V T G C S N Y Y					
1035	1044	1053	1062	1071	1080
AAC TTT TTG CGG TGC ACG GAA CCT GAG GAT CAG CTT TAC TAT GTG AAA TTT TTG					
N F L R C T E P E D Q L Y Y V K F L					
1089	1098	1107	1116	1125	1134
TCA CTC CCA GAG GTG AGA CAA GCC ATC CAC GTG GGG AAT CAG ACT TTT AAT GAT					
S L P E V R Q A I H V G N Q T F N D					

FIGURE 1C

1143	1152	1161	1170	1179	1188
CGA ACT ATA GTT GAA AAG TAC TTG CGA GAA GAT ACA GTA CAG TCA GTT AAG CCA					
G T I V E K Y L R E D T V Q S V K P					
1197	1206	1215	1224	1233	1242
TGG TTA ACT GAA ATC ATG AAT AAT TAT AAG GTT CTG ATC TAC AAT GGC CAA CTG					
W L T E I M N N Y K V L I Y N G Q L					
1251	1260	1269	1278	1287	1296
GAC ATC ATC CTG GCA GGT GCC CTG ACA GAG CGC TCC TTG ATG GGC ATG GAC TGG					
D I I V A A A L T E R S L M G M D W					
1305	1314	1323	1332	1341	1350
AAA GGA TCC CAG GAA TAC AAG AAG GCA GAA AAA AAA GTT TGG AAG ATC TTT					
K G S Q E Y K K A E K K K V W K I F					
1359	1368	1377	1386	1395	1404
AAA TCT GAC AGT GGA GTG GCT GGT TAC ATC CGG CAA GTG GGT GAC TTC CAT CAG					
K S D S G V A G Y I R Q V G D F H Q					
1413	1422	1431	1440	1449	1458
GTA ATT ATT CGA GGT GGA GGA CAT ACT TTA CCC TAT GAC CAG CCT CTG AGA GCT					
V I I R G G G H T L P Y D Q P L R A					
1467	1476	1485	1494	1503	1512
TTT GAC ATG ATT AAT CGA TTC ATT TAT GGA AAA GGA TGG GAT CCT TAT GTT GGA					
F D M I N R F I Y G K G W D P Y V G					

FIGURE 1D

SEQUENCE: 5'-GTG-3'

1521	1530	1539	1548	1557	1566
TAA ACT ACC TTC CCA AAA GAG AAC ATC AGA GGT TTT CAT TGC TGA AAA GAA AAT					
1575	1584	1593	1602	1611	1620
CGT AAA AAC AGA AAA TGT CAT AGG AAT AAA AAA ATT ATC TTT TCA TAT CTG CAA					
1629	1638	1647	1656	1665	
GAT CTT TTT CAT CAA TAA AAA TTA TCC TTG AAA CAA AAA AAA GAA AAA G 3'					

FIGURE 1E

1	MV	---	GAMWKV	IVSL	VLLM	PGPC	DGL	---	FHS	LYRS	V	SEQ ID NO:1
1	MV	---	GAMWKV	IVSL	VLLM	PGPC	DGL	---	FHS	LYRS	V	SEQ ID NO:3
1	MV	---	GAMWKV	IVSL	VLLM	PGPC	DGL	---	FHS	LYRS	V	SEQ ID NO:5
1	MV	---	---	KFHL	LV	LIAFT	CYTC	SDAT	LWN	PYKK	LMRGS	GI 1718107
1	MIRA	APP	PLFL	LLLL	LLLL	LV	---	---	WAS	---	---	GI 190283
32	SMP	PK	---	GDSG	QP	PLFL	TPY	IEAG	KIQ	KGREL	SLV	SEQ ID NO:1
32	SMP	PK	---	GDSG	QP	PLFL	TPY	IEAG	KIQ	KGREL	SLV	SEQ ID NO:3
32	SMP	PK	---	GDSG	QP	PLFL	TPY	IEAG	KIQ	---	---	SEQ ID NO:5
34	ASP	FR	PGES	GLPL	FLFL	TLPL	LQD	GKI	EEA	RNR	KA	GI 1718107
28	AA	---	---	---	---	---	DQ	DEI	OR	LP	GLAK	GI 190283
71	---	MKSY	AD	FL	T	V	N	K	T	Y	N	SEQ ID NO:1
71	---	MKSY	AG	FL	T	V	N	K	T	Y	N	SEQ ID NO:3
55	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	SEQ ID NO:5
73	SV	ES	YSG	EM	TV	DA	KH	NS	NL	FF	WY	GI 1718107
48	---	RQY	SG	YL	---	---	K	S	S	G	S	GI 190283
110	GE	PG	GS	SM	EG	LF	VE	H	GP	Y	V	SEQ ID NO:1
110	GG	PG	GS	SM	XL	GL	FV	EH	GP	Y	V	SEQ ID NO:3
55	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	SEQ ID NO:5
113	GG	PG	AS	SL	FG	ME	ENG	PP	HH	I	HR	GI 1718107
84	GG	PG	CS	SL	D	GL	L	T	EH	GP	FL	GI 190283

FIGURE 2A

149	L	Y	I	D	N	P	V	G	T	G	F	S	F	T	D	D	T	H	G	Y	A	V	N	E	D	D	V	A	R	D	L	Y	S	A	L	I	Q	F	F	Q	SEQ ID NO:1	
149	L	Y	I	D	N	P	V	G	T	G	F	S	F	T	D	D	T	H	G	Y	A	V	N	E	D	D	V	A	R	D	L	Y	S	A	L	I	Q	F	F	Q	SEQ ID NO:3	
55	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	SEQ ID NO:5			
152	I	Y	I	D	N	P	V	G	T	G	F	S	F	T	D	S	D	E	G	Y	S	T	N	E	H	V	G	E	N	L	M	K	F	I	Q	Q	F	F	Q	GI 1718107		
124	L	Y	L	E	S	P	A	G	V	G	F	S	Y	S	I	D	D	K	F	-	Y	A	T	N	D	T	E	V	A	Q	S	N	F	E	A	L	Q	D	F	F	R	GI 190283
189	I	F	P	E	Y	K	N	N	D	F	Y	V	T	G	E	S	Y	A	G	K	Y	V	P	A	I	A	H	L	I	H	S	L	N	P	V	R	E	V	K	I	SEQ ID NO:1	
189	I	F	P	E	Y	K	N	N	D	F	Y	V	T	G	E	S	Y	A	G	K	Y	V	P	A	I	A	H	L	I	H	S	L	N	P	V	R	E	V	K	I	SEQ ID NO:3	
64	I	F	P	E	Y	K	N	N	D	F	Y	V	T	G	E	S	Y	A	G	K	Y	V	P	A	I	A	H	L	I	H	S	L	N	P	V	R	E	V	K	I	SEQ ID NO:5	
192	L	F	P	N	L	L	K	H	P	F	Y	I	S	G	E	S	Y	G	K	F	V	P	A	F	G	Y	A	I	H	-	-	N	S	Q	S	Q	P	K	I	GI 1718107		
163	L	F	P	E	Y	K	N	K	L	F	L	T	G	E	S	Y	A	G	I	Y	I	P	T	L	A	V	L	V	-	-	-	-	M	Q	D	P	S	M	GI 190283			
229	N	L	N	G	I	A	I	G	D	G	Y	S	D	P	E	S	I	G	G	Y	A	E	F	L	Y	Q	I	G	L	L	D	E	K	Q	K	K	Y	F	Q	SEQ ID NO:1		
229	N	L	N	G	I	A	I	G	D	G	Y	S	D	P	E	S	I	G	G	Y	A	E	F	L	Y	Q	I	G	L	L	D	E	K	Q	K	K	Y	F	Q	SEQ ID NO:3		
104	N	L	N	G	I	A	I	G	D	G	Y	S	D	P	E	S	I	G	G	Y	A	E	F	L	Y	Q	I	G	L	L	D	E	K	Q	K	K	Y	F	Q	SEQ ID NO:5		
230	N	L	Q	G	L	A	I	G	D	G	Y	T	D	E	L	N	Q	L	N	-	Y	G	E	V	L	Y	E	L	G	L	I	D	L	N	G	R	K	K	F	D	GI 1718107	
198	N	L	Q	G	L	A	V	G	N	G	L	S	Y	E	Q	N	D	N	S	L	V	Y	F	A	Y	H	G	L	L	G	N	R	L	W	S	S	L	Q	GI 190283			
269	K	Q	C	-	-	-	H	E	C	I	E	H	I	R	K	Q	-	N	W	F	E	A	F	E	I	L	D	K	L	L	-	D	G	D	L	T	S	D	P	S	SEQ ID NO:1	
269	K	Q	C	-	-	-	H	E	C	I	E	H	I	R	K	Q	-	N	W	F	E	A	F	E	I	L	D	K	L	L	-	D	G	D	L	T	S	D	P	S	SEQ ID NO:3	
144	K	Q	C	-	-	-	H	E	C	I	E	H	I	R	K	Q	-	N	W	F	E	A	F	E	I	L	D	K	L	L	-	D	G	D	L	T	S	D	P	S	SEQ ID NO:5	
269	E	D	T	-	-	-	A	A	A	I	A	C	A	E	R	K	-	D	M	N	S	A	N	R	L	I	Q	G	L	F	-	D	G	-	L	D	G	Q	E	S	GI 1718107	
238	T	H	C	C	S	Q	N	K	C	N	F	Y	D	N	K	D	L	E	C	V	T	N	L	Q	E	V	A	R	I	V	G	N	S	G	L	N	I	Y	N	L	GI 190283	

FIGURE 2B

304	Y F Q N V T G C S N Y Y N F L R C T E	- P E D Q L Y Y V K F L S L P E V R Q A	-	S Q ID NO:1
304	Y F Q N V T G C S N Y Y N F L R C T E	- P E D Q L Y Y V K F L S L P E V R Q A	-	S Q ID NO:3
179	Y F Q N V T G C S N Y Y N F L R C T E	- P E D Q L Y Y V K F L S L P E V R Q A	-	S Q ID NO:5
303	Y F K K V T G F S Y Y N F I K G D E	E S K Q D S V L M E F L S N P E V R K G	-	GI 1718107
278	Y A P C A G G V P S H F Y E K D T	V V V Q D L G N I F T R L P L K R M W H Q A	-	GI 190283
342	- I H V G N Q T F N D G	- - - - - I V E K Y L R E	- - - - - D T V Q S V K	S Q ID NO:1
342	- I H V G N Q T F N D G	- - - - - I V E K Y L R E	- - - - - D T V Q S V K	S Q ID NO:3
217	- I H V G N Q T F N D G	- - - - - I V E K Y L R E	- - - - - D T V Q S V K	S Q ID NO:5
342	- I H V G E L P F H D S	- - - - - D G H N K V A E M I S E	- - - - - D T L D T V A	GI 1718107
318	L L R S G D K V R M D P P C T	N T T A A S T Y L N N P Y V R K A L N I P E Q L P	-	GI 190283
369	P W - L T E I M	- - - - -	- - - - - N N Y K V L I Y N G	S Q ID NO:1
369	P W - L T E I M	- - - - -	- - - - - N N Y K V L I Y N G	S Q ID NO:3
244	P W - L T E I M	- - - - -	- - - - - N N Y K V L I Y N G	S Q ID NO:5
372	P W - V S K L L	- - - - -	- - - - - S H Y R V L F Y N G	GI 1718107
358	Q W D M C N F L V N L Q Y R R L Y R S M N S Q Y L K L S S Q K Y Q I L L Y N G	- - - - -	- - - - -	GI 190283
386	Q L D I I V A A A L T E R S L M G M D W K G S Q E Y K K A E	- K K K V W K I	- F	S Q ID NO:1
386	Q L D I I V A A A L T E R S L M G M D W K G S Q E Y K K A E	- K K K V W K I	- F	S Q ID NO:3
261	Q L D I I V A A A L T E R S L M G M D W K G S Q E Y K K A E	- K K K V W K I	- F	S Q ID NO:5
389	Q L D I I C A Y P M T V D F L M K M P F D G D S E Y K R A N	- R E - - - - I	- Y	GI 1718107
398	D V D M A C N - - - - - F M G D E W F V D S L N Q K M E	V Q R R P W L V K Y	-	GI 190283

FIGURE 2C

424	-KSDS	G	V	A	G	I	R	Q	V	G	D	F	H	Q	V	I	R	G	G	H	T	L	P	Y	D	Q	P	L	R	A	F	D	M	SEQ ID NO: 1					
423	-KSDS	E	V	A	G	I	R	Q	V	G	D	F	H	Q	V	I	R	G	G	H	L	P	Y	D	Q	P	L	R	A	F	D	M	SEQ ID NO: 3						
298	-KSDS	E	V	A	G	I	R	Q	V	G	D	F	H	Q	V	I	R	G	G	H	L	P	Y	D	Q	P	L	R	A	F	D	M	SEQ ID NO: 5						
423	-RVD	G	E	I	A	G	I	R	Q	V	G	D	F	H	Q	V	I	R	N	A	G	H	M	V	P	R	D	Q	P	K	W	A	F	D	M	GI 1718107			
431	GDS	G	E	Q	I	A	G	F	V	K	E	F	S	H	I	A	F	L	T	I	K	G	A	G	H	M	V	P	T	D	K	P	L	A	A	F	T	M	GI 190283

463	I	N	R	F	I	Y	G	K	G	W	D	P	Y	V	G	SEQ ID NO: 1
462	I	N	R	F	I	Y	G	K	G	W	D	P	Y	V	G	SEQ ID NO: 3
337	I	N	R	F	I	Y	G	K	G	W	D	P	Y	V	G	SEQ ID NO: 5
462	I	T	S	F	T	H	K	N	-	-	-	Y	L		GI 1718107	
471	F	S	R	F	L	N	K	-	-	-	Q	P	Y		GI 190283	

FIGURE 2D